



Europäisches Patentamt  
European Patent Office  
Office européen des brevets



Veröffentlichungsnummer: **0 480 289 A1**

(12)

## EUROPÄISCHE PATENTANMELDUNG

(21) Anmeldenummer: **91116745.0**

(51) Int. Cl.<sup>5</sup> **C12Q 1/68**

(22) Anmeldetag: **01.10.91**

(13) Priorität: **09.10.90 DE 4032024**  
**05.12.90 DE 4038804**

(11) Veröffentlichungstag der Anmeldung:  
**15.04.92 Patentblatt 92/16**

(54) Benannte Vertragsstaaten:  
**AT BE CH DE DK ES FR GB GR IT LI LU NL SE**

(71) Anmelder: **BOEHRINGER MANNHEIM GMBH**  
**Sandhofer Strasse 116**  
**W-6800 Mannheim 31(DE)**

(72) Erfinder: **Ludwig, Wolfgang, Dr. rer. nat.**  
**Alpenblickstrasse 8**  
**W-8179 Sachsenkamm(DE)**  
Erfinder: **Schleifer, Karl-Heinz, Prof. Dr.**  
**Schwalbenstrasse 3a**  
**W-8044 Unterschleissheim(DE)**  
Erfinder: **Kessler, Christoph, Dr.rer.nat.**  
**Schlossbergweg 11**  
**W-8021 Dorfen(DE)**  
Erfinder: **Rüger, Rüdiger, Dr. med.**  
**Tutzinger Strasse 2**  
**W-8124 Seeshaupt(DE)**  
Erfinder: **Stern, Anne, Dr. rer. nat.**  
**Karwendelstrasse 10**  
**W-8122 Penberg(DE)**

(57) **Verfahren zur genus- oder/und spezies-spezifischen Detektion von Bakterien in einer Probenflüssigkeit.**

(57) Zur genus- oder und spezies-spezifischen Detektion von Bakterien in einer Probenflüssigkeit hybridisiert man bakterielle RNA mit einem Primer, der zu einer genus- bzw. spezies-spezifischen Region von RNA bestimmter Bakterien oder einer hochkonservierten Region der RNA von Bakterien allgemein komplementär ist, an seinem 3'-Ende jedoch nicht komplementär ist zur RNA von Bakterien anderer Gattung bzw. Spezies, elongiert den Primer in Anwesenheit einer geeigneten Polymerase und den vier Desoxyribonukleotiden, gegebenenfalls mit gleichzeitiger oder anschließender Markierung des Elongationsproduktes, hybridisiert ein gebildetes Elongationsprodukt nach Denaturierung mit einem genus- bzw. spezies-spezifischen Oligonukleotid und weist die Hybridisierung über die Markierung des Oligonukleotids nach.

EP 0 480 289 A1

Die Erfindung betrifft ein Verfahren zur genus- oder und spezies-spezifischen Detektion von Bakterien in einer Probenflüssigkeit.

Für den Nachweis bestimmter Nukleinsäuren wurden nach Entwicklung der Hybridisierungstechniken viele Methoden erarbeitet, mit deren Hilfe man das Vorhandensein oder Fehlen bestimmter Nukleinsäureabschnitte bestimmen konnte. Hierzu gehört unter anderem auch die Diagnostik von menschlichen Erbkrankheiten sowie anderen Defekten auf Genom-Ebene, die nicht unbedingt zu einer sich tatsächlich auswirkenden Krankheit führen müssen. Jedoch war die Spezifität des Nukleinsäuren-Nachweises nach den anfangs entwickelten Methoden nicht sehr hoch und es ergaben sich insbesondere beim Nachweis von Mutationen auf Nukleinsäuren, die nur wenige Basen betreffen, Schwierigkeiten hinsichtlich der Nachweisgenauigkeit. Insbesondere für die Unterscheidung von Nukleinsäure-Varianten in lediglich einer oder zwei Basen waren die bekannten Hybridisierungsmethoden zu unspezifisch. Dies lag zum einen daran, daß bei der Hybridisierung aufgrund der Verwendung relativ kurzer Oligonukleotide keine sehr stringenten Bedingungen angewandt werden konnten, weshalb meist das Fehlen der Hybridisierung einer Base (eines sogenannten "Mismatches") nicht bemerkt werden konnte. Zum anderen lag es an den oft relativ geringen verfügbaren Mengen an gereinigter nachzuweisender bzw. zu unterscheidender Nukleinsäure.

Im Rahmen der Fortentwicklung der Nukleinsäure-Nachweismethoden wurde unter anderem die PCR-Reaktion entwickelt, mit Hilfe derer eine nachzuweisende Nukleinsäure amplifiziert werden kann. Jedoch entstehen bei der PCR-Reaktion oft auch Nebenprodukte, die den nachfolgenden Nachweis durch Hybridisierung stören. Es wurde daher bereits in der EP 0 332 435 ein Verfahren vorgeschlagen, bei dem zur Unterscheidung von Nukleinsäuren, welche sich mindestens durch ein Nukleotid unterscheiden, ein diagnostischer Primer eingesetzt wird, der mit Hilfe einer Polymerase und den Nukleosidtriphosphaten elongiert wird; eine Elongation hierbei jedoch nur dann stattfindet, wenn das 3'-endständige Nukleotid des Primers komplementär zum entsprechenden Nukleotid der nachzuweisenden Nukleinsäure ist. Die Bestimmung des Vorhandenseins einer möglichen Punktmutationsvariante wird hierbei über die An- oder Abwesenheit eines Elongationsprodukts geführt. Dies wird in dieser Anmeldung am Beispiel bestimmter Erbkrankheiten beim Menschen gezeigt.

Nun bestehen jedoch auch bei dieser Verfahrensführung Schwierigkeiten dahingehend, daß manche Polymerasen eine sogenannte "proof reading-Aktivität" besitzen, die das Mismatch bei der Primerelongation korrigieren und damit einen spezifischen Nachweis unmöglich machen. Es bestand daher nach wie vor die Notwendigkeit, ein Verfahren zu entwickeln, mit dem Unterschiede von nur einer Base auf Nukleinsäuren zuverlässig nachgewiesen werden können. Insbesondere für den Nachweis der An- oder Abwesenheit bestimmter Bakteriengattungen sowie deren Unterscheidung in einer Probenflüssigkeit bestand ein Bedarf an einem hochspezifischen Nachweisverfahren für Nukleinsäure-Varianten. Die Aufgabe der Erfindung war es daher, ein solches hochspezifisches Verfahren zur Verfügung zu stellen.

Gegenstand der Erfindung ist daher ein Verfahren zur genus- oder und spezies-spezifischen Detektion von Bakterien in einer Probenflüssigkeit, bei dem man bakterielle RNA mit einem Primer, der zu einer genus- bzw. spezies-spezifischen Region von RNA bestimmter Bakterien komplementär ist, an seinem 3'-Ende jedoch nicht komplementär ist zur RNA von Bakterien anderer Gattung bzw. Spezies, hybridisiert. Elongation des Primers in Anwesenheit einer geeigneten Polymerase und den vier Desoxyribonukleotiden, gegebenenfalls mit gleichzeitiger oder anschließender Markierung des Elongationsproduktes bewirkt, wobei ein bei Komplementarität von Primer und Template RNA gebildetes Elongationsprodukt zusätzlich nach Denaturierung mit einem genus- bzw. spezies-spezifischen Oligonukleotid hybridisiert und die Hybridisierung über die Markierung des Oligonukleotids nachgewiesen wird.

Im Rahmen der Erfindung kann der Primer auch zu einer bei der RNA von Bakterien allgemein hochkonservierten Region komplementär sein, solange sich am 3'-Ende des Primers ein Mismatch bei der Basenpaarung mit der RNA der anderen Gattung bzw. Spezies ergibt.

Der Begriff "bakterielle RNA" umfaßt im Rahmen der Erfindung auch ein Amplifikationsprodukt der direkt von dem Bakterium gebildeten RNA. Die Amplifikation der bakteriellen RNA kann mit Hilfe bekannter Methoden, wie z.B. Polymerase chain reaction (USP 4 683 195), Nucleic acid sequence based amplification (EP-A 0 329 822) oder fast enzyme linked intense chain replication effect (deutsche Patentanmeldung P 39 29 030 1) erfolgen.

Das erfindungsgemäße Verfahren ermöglicht es, durch zwei Selektionsschritte, die Gefahr von falschen Aussagen aufgrund von nur einer unterscheidenden Reaktion deutlich zu verringern und somit ein hochspezifisches Nachweisverfahren bereitzustellen, mit dem zwischen sich auch nur in wenigen Basen unterscheidenden bakteriellen RNAs unterschieden werden kann, wodurch wiederum eine Aussage über das Vorhandensein einer bestimmten Bakteriengattung oder -spezies ermöglicht wird. Gerade die 16S-rRNA, aber auch die 23S-rRNA von Bakterien-Spezies unterscheiden sich nämlich oft nur in wenigen Nukleotiden. Solche Unterschiede stellen oft die einzige Möglichkeit dar, zwischen "schädlichen" und "harmlosen"

Bakterien zu unterscheiden. Prinzipiell kann erfindungsgemäß auch eine Unterscheidung von einzelnen Bakterienfamilien erfolgen.

In einer besonders bevorzugten Ausführungsform der Erfindung wird hierbei in praktisch einem Schritt nach Untersuchung auf Anwesenheit von Vertretern einer Gattung von Bakterien gleich die Bestimmung der tatsächlichen Spezies ermöglicht. Hierzu verwendet man einen Primer, der zur RNA einer bestimmten Gattung von Bakterien komplementär ist, der jedoch an seinem 3'-Ende sich in mindestens einer, vorzugsweise zwei oder drei Basen von der RNA von Bakterien anderer Gattungen unterscheidet. Bei Anwesenheit von Bakterien der gesuchten Gattung in der Probenflüssigkeit entsteht ein Elongationsprodukt nach Primerelongation und dieses Elongationsprodukt wird dann mit einem Oligonukleotid hybridisiert, das einem anderen Bereich der Bakterien-RNA entspricht, wobei hier die Hybridisierungsvoraussetzungen nur für eine bestimmte Spezies dieser Bakterien-Gattung gegeben sind.

Im erfindungsgemäßen Verfahren ist es möglich, bei der Hybridisierung der RNA mit dem Primer sehr lange Primer zu verwenden, was es wiederum ermöglicht, sehr stringente Bedingungen bei dieser Hybridisierung anzuwenden. Hierdurch wird bereits der Primerelongationsschritt ein sehr spezifisches Resultat liefern, was durch den zusätzlichen Hybridisierungsschritt noch deutlich verbessert wird. Es ist erfindungsgemäß weiter möglich jeweils Kontrollversuche mitlaufen zu lassen, bei denen Primer bzw. Oligonukleotide eingesetzt werden, die zu Bereichen auf der RNA komplementär bzw. identisch sind, welche für eine Vielzahl von Bakteriengattungen und -spezies gleich sind. Es existieren hier für Kontrollversuche sogar Primer bzw. Oligonukleotide, die für alle Eubakterien spezifisch sind. Durch solche Kontrollversuche kann das Vorhandensein und die Zugänglichkeit der Target-RNA gezeigt werden und somit "falsch-negative" Resultate verhindert werden. Weiter können Blindversuche ohne Target-RNA durchgeführt werden. Hierdurch wird vermieden, daß Artefakte bei sowohl der Primerelongation als auch bei der Hybridisierung mit der tatsächlichen spezifischen Reaktion verwechselt werden. Gleichzeitig kann die Menge an Bakterien bestimmter Gattungen bzw. Spezies im Vergleich zur Gesamtbakterienmenge abgeschätzt werden.

Als RNA von bakteriellem Ursprung kann erfindungsgemäß jegliche RNA eingesetzt werden, für die Unterschiede bei verschiedenen Gattungen bzw. Spezies gezeigt werden können. Vorzugsweise wird rRNA, mRNA oder t-RNA benutzt, indem hierzu komplementäre Primer und Oligonukleotide für das erfindungsgemäße Verfahren ausgewählt werden. Bakterielle RNA wird für das erfindungsgemäße Verfahren nach an sich bekannten Methoden präpariert.

Der tatsächliche Nachweis der Hybridisierung des gebildeten Elongationsprodukts erfolgt über die Markierung des Oligonukleotids, wobei hier jegliche Markierungsarten für Nukleinsäuren anwendbar sind. Auch das Elongationsprodukt kann erfindungsgemäß bereits bei der Erzeugung, jedoch auch anschließend oder über den Primer markiert werden, um auch hier die Beobachtung der Reaktion zu ermöglichen. Vorzugsweise erfolgt die Markierung des Elongationsprodukts, indem ein bereits markierter Primer eingesetzt wird.

Erfindungsgemäß ist es besonders bevorzugt, daß die Markierung des Primers und des Oligonukleotids unterschiedlich sind und daher beide Verfahrensschritte separat kontrolliert und überwacht werden können.

Die Elongationsprodukte werden zur Hybridisierung auf an sich bekannte Weise präpariert, vorzugsweise indem eine Abtrennung von nicht-elongiertem Primer und nicht-umgesetzten Nukleinsäurebausteinen erfolgt. Es ist hierbei jegliche Methode geeignet, die zu einer Größenaufspaltung von Nukleinsäurestücken führt. Vorzugsweise wird dies mit Hilfe von Gelelektrophorese oder aufsteigender Dünnschichtchromatographie bewirkt. Auch Auftrennung über HPLC erscheint geeignet.

Die Hybridisierung mit dem Oligonukleotid erfolgt dann ebenfalls in an sich bekannter Weise, wie z.B. nach Southern Transfer der DNA auf ein Nitrocellulosepapier oder andere bekannte Methoden. Aufgrund sowohl der Lokalisation des Signals nach Hybridisierung mit dem Oligonukleotid, als auch durch die Signalstärke können dann die nötigen Rückschlüsse gezogen werden.

Es ist jedoch im Rahmen der Erfindung auch möglich und ebenfalls bevorzugt, eine Doppelmarkierung von Elongationsprodukt und Oligonukleotid in einer solchen Weise durchzuführen, daß ein gebildetes Elongationsprodukt über seine Markierung an eine feste Phase gebunden wird und dann der Nachweis über ein Oligonukleotid in markierter Form geführt wird, das zum nichtverlängerten Primer nicht komplementär ist und dadurch auch kein falsches Signal geben kann. Für solche Markierungen sind z.B. Bindungspaare wie Biotin-Streptavidin oder Hapten-Anti-Hapten-Antikörper, wie Digoxigenin-Anti-Digoxigenin-Antikörper, geeignet, bei denen ein Bindungspartner an die feste Phase gekoppelt wird (z.B. Streptavidin) und der zweite Partner an den Primer oder einen der Nukleinsäurebausteine gebunden wird.

Um eben die Spezifität des erfindungsgemäßen Verfahrens zu erhöhen, findet die Hybridisierung mit dem Oligonukleotid an eine Sequenz statt, die von der Primer-Sequenz verschieden ist. Diese Sequenz kann in einer Entfernung von der Primersequenz liegen, wie üblicherweise Primerelongationsverfahren

entsprechende Nukleinsäurekettenlängen liefern. Vorzugsweise findet die Hybridisierung mit einer Sequenz statt, die 20 bis 400 Basen in 5'-Richtung benachbart zur zum Primer komplementären Sequenz auf der RNA liegt.

Im Rahmen des erfindungsgemäßen Verfahrens wird vorzugsweise ein Primer eingesetzt, der 15 bis 50 Nukleotide lang ist, wobei jedoch die Länge des Primers primär von den Hybridisierungsbedingungen und damit der Stringenz des Verfahrens abhängt, was wiederum von der Temperatursensitivität der verwendeten Polymerase, nämlich vorzugsweise AMV- oder MMuLV-Reverse Transkriptase, abhängig ist. Die Hybridisierungstemperatur darf nicht höher sein als die Temperaturtoleranz der Polymerase zuläßt, sollte jedoch hoch genug sein, um eine hohe Stringenz zu ermöglichen. Je länger der Primer ist, um so höher ist die Schmelztemperatur des Hybridproduktes aus Primer und nachzuweisender RNA-Sequenz.

Das zur Hybridisierung mit dem Elongationsprodukt verwendete Oligonukleotid ist im Rahmen der Erfindung bevorzugt 12 bis 20 Nukleotide lang, wodurch auf der einen Seite eine hohe Spezifität erreicht wird, auf der anderen Seite jedoch die Anforderungen an die Oligonukleotidsynthese relativ gering gehalten werden.

Das erfindungsgemäße Verfahren ermöglicht es in hochspezifischer Weise in einer Probenflüssigkeit die Anwesenheit bestimmter Bakterien nachzuweisen. Es wird hierbei insbesondere ermöglicht, bei Anwesenheit einer bestimmten Bakteriengattung gleich auch die tatsächliche Subspezies zu bestimmen. Gleichzeitig wird den hohen Spezifitätsanforderungen der klinischen Diagnostik genügt.

Die folgenden Beispiele sollen die Erfindung weiter erläutern.

#### Beispiel 1

Differenzierung von *Lactococcus lactis* subsp. *lactis* und *L. lactis* subsp. *cremoris*

Zellen der jeweiligen Bakterien-subspezies (1 bis 3 g) wurden in 3 ml 1 x SSC (150 mmol/l NaCl, 15 mmol/l Trisnatriumcitrat, pH 7,0 bei 0 °C) suspendiert. Nach Zellaufschluß mit Glasperlen (50 g;  $\phi$  0,17 mm) im Zellhomogenisator für 4 x 30 Sekunden wurde eine Phenol-extraktion durchgeführt, bei der 3 x mit je 3 ml 1 x SSC und 6 ml Phenol (1 x SSC gesättigt) ausgeschüttelt wurde. Darauf folgte eine viermalige E-Extraktion mit dem doppelten Volumen an Diethylether. Schließlich wurde eine Fällung der Nukleinsäuren durch Zugabe von 0,1 Vol.-% 5 mol/l Kaliumacetat, 2,5 Vol.-% abs. Ethanol bei -20 °C durchgeführt und nach Zentrifugation (20 Minuten, 10 000 g) der Niederschlag im Vakuum getrocknet. Vorhandene DNA wurde durch Suspendieren in 10 ml 3 mol/l Natriumacetat, pH 6,0 bei 0 °C im Ultra-Turrax (10 Sekunden) resuspendiert und nach Zentrifugation und Wiederholung dieser Prozedur über 3 bis 4 x als Pellet vornehmlich die rRNA erhalten.

2 µg der so hergestellten rRNA und 10 µmol Primer der folgenden Sequenz (SEQ ID NO 1)

5' CGGTTAAGAAGCTCTCTACCATTT 3'

wurden in 5 ml Puffer (0,1 mol/l KCl; 0,05 mol/l Tris-HCl, pH 8,3) 4 Minuten bei 90 °C denaturiert und das Gemisch danach 10 Minuten bei 70 °C inkubiert. Hiervon wurde 1 µl mit 4 µl Puffer (0,05 mol/l Tris-HCl, pH 8,3; 0,12 mol/l NaCl; 0,07 mol/l MgCl<sub>2</sub>; je 0,06 mmol/l dGTP, dCTP, dTTP; 0,06 mmol/l [<sup>32</sup>P]-α-dATP (ungefähr 1 µCi; 5 Einheiten AMV oder MMuLV-Reverse Transkriptase (Boehringer Mannheim)) 20 Minuten bei 45 °C inkubiert. Die Auftrennung der Reaktionsprodukte (2 µl) erfolgte mittels aufsteigender Dünnschichtchromatographie (DEAE-Cellulose, Polygram cell 300, Schleicher und Schüll) bei 80 °C über 45 Minuten mit dem Laufmittel 0,4 mol/l Ammoniumformiat in 9 mol/l Harnstoff. Nach Autoradiographie konnten die gebildeten Elongationsprodukte gezeigt werden.

Als Kontrolle des Nachweissystems wurde in analoger Weise eine Kontrollreaktion als Positivstandard mit Hilfe eines synthetischen Oligonukleotids, das komplementär zu rRNA-Molekülen von praktisch allen Bakterien ist, mit der Sequenz (SEQ ID NO

5' AGAAGCTCCCCCTACC 3'

durchgeführt. Die Bedingungen waren wie bereits für den spezifischen Primer ausgeführt.

Eine Probe der Elongationsprodukte, welche mit Hilfe des spezifischen Primers erhalten wurden, wurde in 200 µl 0,4 N NaOH denaturiert (20 Minuten, 25 °C) und dann an eine Membran (Zetaprobe, Biorad) gebunden (dot blot, Minifold, Schleicher und Schüll). Die Detektorsonde mit der Sequenz (SEQ ID NO 3)

5' TGCGTAATAGCTCACT 3',

deren komplementäre Sequenz auf der RNA ca. 65 Basen 5' der zum spezifischen Primer komplementären Sequenz liegt (5 pmol) wurde in 20 µl Puffer (0,027 mol/l Tris-HCl, pH 8; 0,011 mol/l DTT; 0,9 mmol/l Spermin; 0,011 mol/l MgCl<sub>2</sub>; 0,25 mmol/l [<sup>32</sup>P]-ATP, ca. 30 µCi) markiert durch 30-minütige Inkubation bei 37 °C. Durch Anwendung des Systems Gene Clean™ oder Mer Maid (Bio 101 Inc., La Jolla, USA) wurden nicht umgesetzte Nukleotide abgetrennt und die markierte Detektorsonde gereinigt. Die wie oben vorberei-

tete Membran, an die das Elongationsprodukt gebunden ist, wurde in 0,5 x SSC, 0,5 % SDS eine Stunde bei 50 °C gewaschen und dann in 6 x SSC, 5 x Denhardt, 0,5 % Sarkosyl, 0,1 % SDS 2 Stunden ebenfalls bei 50 °C vorinkubiert. Die Hybridisierung erfolgte mit 3 pmol der Detektorsonde in 6 x SSC, 5 x Denhardt, 0,5 % Sarkosyl, 0,1 % SDS über 4 Stunden bei 38 °C, worauf mit 2 x SSC, 0,1 % SDS (2 x 5 Minuten  
 5 25 °C, 1 x 5 Minuten 37 °C) gewaschen wurde. Nach Autoradiographie wurde eine densitometrische Analyse des Autoradiogramms durchgeführt, deren Ergebnis zeigt, daß nach Aufbringen der Elongationsprodukte im Dot blot vergleichbare Signale bei den gebildeten Elongationsprodukten und der Kontrollreaktion erhalten wurden, bei Verwendung der Detektorsonde jedoch nur bei Anwesenheit von *L. lactis subsp. lactis*.

#### Beispiel 2

Differenzierung von *Lactococcus lactis* und *Streptococcus oralis*, Nachweis von cDNA mit *L. lactis*-spezifischer Detektorsonde

Als Primer wurde das 17 Basen lange Oligonukleotid mit der Sequenz (SEQ ID NO 4)

5' TTCGCTCGCCGCTACTT 3'

eingesetzt, das zu RNA von *L. lactis* komplementär ist, sich von *Streptococcus oralis*-RNA jedoch in der letzten Base an seinem 3'-Ende unterscheidet. Die RNA-Präparation sowie die Hybridisierung und Primere-  
 20 longation erfolgten wie in Beispiel 1. Als spezifisches, nur an *L. lactis*-RNA hybridisierendes Oligonukleotid wurde die Sequenz (SEQ ID NO 5)

5' CTAGCAGTTATTCATGAGTG 3'

eingesetzt, die erhebliche Unterschiede zur RNA-Sequenz von *S. oralis* aufweist. Die Hybridisierung des auf Membran übertragenen Elongationsproduktes erfolgte ebenfalls wie in Beispiel 1 beschrieben, jedoch bei  
 25 einer Temperatur von 48 °C. Der Nachweis erfolgte wie in Beispiel 1 durch Autoradiographie und densitometrische Auswertung

#### Beispiel 3

Differenzierung von *Lactococcus*-Gattungen von anderen Enterokokken oder grampositiven Bakterien und Subspezies-spezifische Unterscheidung von *Lactococcus lactis* Subspezies *lactis* und *Lactococcus lactis* Subspezies *cremoris*

Als Primer wurde die Sequenz (SEQ ID NO 6)

35 5' CTCACCTTCTTAACGCTCCAG 3'

verwendet. Diese Sequenz ist gattungsspezifisch für Laktokokken und ermöglicht die Unterscheidung dieser Gattung von Enterokokken und anderen grampositiven Bakterien. Die RNA-Präparation sowie die Hybridisierung und Primer-Elongation erfolgte wie in Beispiel 1. Als spezifisch für die Subspezies *Lactococcus lactis* Subspezies *lactis* spezifisches Oligonukleotid wurde die Sequenz (SEQ ID NO 7)

40 5' AGCGTTGGATTCAATTTAAT 3'

verwendet. Die Hybridisierung des auf Membran übertragenen Elongationsproduktes erfolgte wiederum bei 38 °C und auch im übrigen wie in Beispiel 1 beschrieben. Nach Autoradiographie und densitometrischer Auswertung ergab sich hier eindeutig eine Hybridisierung nur bei Anwesenheit von *Lactococcus lactis* Subspezies *lactis*, nicht jedoch bei Anwesenheit von lediglich Elongationsprodukten von *Lactococcus lactis* Subspezies *cremoris*.  
 45

Sequenzprotokoll

5

SEQ ID NO 1

10

Sequenzlänge: 26 Basen  
Art der Sequenz: Nukleotidsequenz (DNA)  
Strangform: Einzelstrang  
Topologie: Linear

15

5'-CGGTTAAGAA CGCTCTCCTA CCATTT-3'

20

SEQ ID NO 2

25

Sequenzlänge: 16 Basen  
Art der Sequenz: Nukleotidsequenz (DNA)  
Strangform: Einzelstrang  
Topologie: Linear  
5'-AGAACGCTCC CCTACC-3'

30

SEQ ID NO 3

35

Sequenzlänge: 16 Basen  
Art der Sequenz: Nukleotidsequenz (DNA)  
Strangform: Einzelstrang  
Topologie: Linear

40

5'-TGCGTAATAG CTCACT-3'

45

50

55

SEQ ID NO 4

5 Sequenzlänge: 17 Basen  
 Art der Sequenz: Nukleotidsequenz (DNA)  
 Strangform: Einzelstrang  
 Topologie: Linear  
 10 5'-TTCGCTCGCC GCTACTT-3'

SEQ ID NO 5

15 Sequenzlänge: 20 Basen  
 Art der Sequenz: Nukleotidsequenz (DNA)  
 20 Strangform: Einzelstrang  
 Topologie: Linear  
 25 5'-CTAGCAGTTA TTCATGAGTG-3'

SEQ ID NO 6

30 Sequenzlänge: 20 Basen  
 Art der Sequenz: Nukleotidsequenz (DNA)  
 Strangform: Einzelstrang  
 35 Topologie: Linear  
 5'-CTCACTTCTT AACGCTCCAG-3'

SEQ ID NO 7

40 Sequenzlänge: 20 Basen  
 Art der Sequenz: Nukleotidsequenz (DNA)  
 45 Strangform: Einzelstrang  
 Topologie: Linear  
 50 5'-AGCGTTGGAT TCAATTAAAT-3'

**Patentansprüche**

- 55 1. Verfahren zur genus- oder und spezies-spezifischen Detektion von Bakterien in einer Probenflüssigkeit, **dadurch gekennzeichnet**, daß man bakterielle RNA mit einem Primor, der zu einer genus- bzw. spezies-spezifischen Region von RNA bestimmter Bakterien oder einer hochkonservierten Region der RNA von Bakterien allgemein

komplementär ist, an seinem 3'-Ende jedoch nicht komplementär ist zur RNA von Bakterien anderer Gattung bzw. Spezies, hybridisiert, Elongation des Primers in Anwesenheit einer geeigneten Polymerase und den vier Desoxyribonukleotiden, gegebenenfalls mit gleichzeitiger oder anschließender Markierung des Elongationsproduktes, bewirkt und ein gebildetes Elongationsprodukt nach Denaturierung mit einem genus- bzw. spezies-spezifischen Oligonukleotid hybridisiert und die Hybridisierung über die Markierung des Oligonukleotids nachweist.

2. Verfahren nach Anspruch 1,

**dadurch gekennzeichnet,**

daß man einen Primer verwendet, der zur RNA einer bestimmten Gattung von Bakterien komplementär ist und die Elongationsprodukte mit einem Oligonukleotid hybridisiert, das nur mit RNA einer bestimmten Spezies innerhalb dieser Gattung von Bakterien identisch ist

3. Verfahren nach Anspruch 1 oder 2,

**dadurch gekennzeichnet,**

daß man Primer und Oligonukleotide verwendet, die zu einer genus- bzw. spezies-spezifischen Region von rRNA, mRNA oder t-RNA komplementär bzw. identisch sind

4. Verfahren nach einem der Ansprüche 1 bis 3,

**dadurch gekennzeichnet,**

daß man unterschiedliche Markierungen für Primer und Oligonukleotid verwendet.

5. Verfahren nach einem der vorhergehenden Ansprüche,

**dadurch gekennzeichnet,**

daß man als Polymerase AMV- oder MMuLV-Reverse Transkriptase verwendet.

6. Verfahren nach einem der vorhergehenden Ansprüche,

**dadurch gekennzeichnet,**

daß man die gebildeten Elongationsprodukte vor der Hybridisierung mit dem Oligonukleotid mit Hilfe von Gelelektrophorese oder aufsteigender Dünnschichtchromatographie größenabhängig auftrennt.

7. Verfahren nach einem der Ansprüche 1 bis 5,

**dadurch gekennzeichnet,**

daß man als Markierung für das Elongationsprodukt den einen Partner eines spezifischen Bindepaares verwendet, dessen anderer Partner an einer festen Phase gebunden ist und die Hybridisierung mit dem Oligonukleotid an dieser festen Phase erfolgt.

8. Verfahren nach einem der vorhergehenden Ansprüche,

**dadurch gekennzeichnet,**

daß die Hybridisierung mit dem Oligonukleotid an einer Sequenz stattfindet, die 20 bis 400 Basen in 5'-Richtung benachbart zur zum Primer komplementären Sequenz liegt.

9. Verfahren nach einem der vorhergehenden Ansprüche,

**dadurch gekennzeichnet,**

daß das Oligonukleotid 12 bis 20 Nukleotide lang ist.

10. Verfahren nach einem der vorhergehenden Ansprüche,

**dadurch gekennzeichnet,**

daß der Primer 15 bis 50 Nukleotide lang ist.





Europäisches  
Patentamt

## EUROPÄISCHER RECHERCHENBERICHT

Nummer der Anmeldung

EP 91 11 6745

EINSCHLÄGIGE DOKUMENTE			
Kategorie	Kennzeichnung des Dokuments mit Angabe, soweit erforderlich, der maßgeblichen Teile	Betrifft Anspruch	KLASSIFIKATION DER ANMELDUNG (int. Cl.5)
A	WO-A-9 011 374 (DU PONT DE NEMOURS & CO) "Anspruch 1"	1	C 12 Q 1 68
A	GB-A-2 202 328 (ORION-YHTYMA OY) "Ansprüche 3-5"	1	
A	EP-A-0 332 435 (IMPERIAL CHEMICAL INDUSTRIES) "Ansprüche"	1	
P.X	EP-A-0 420 260 (HOFFMANN LA ROCHE) "Zusammenfassung"	1	
A	EP-A-0 307 270 (INSTITUT PASTEUR) "		
			RECHERCHIERTE SACHGEBIETE (int. Cl.5)
			C 12 Q
Der vorliegende Recherchenbericht wurde für alle Patentansprüche erstellt			
Recherchenort		Abschlußdatum der Recherche	
Den Haag		18 Dezember 91	
		Prüfer	
		MOLINA GALAN E.	
<b>KATEGORIE DER GENANNTEN DOKUMENTE</b>			
X: von besonderer Bedeutung allein betrachtet		E: älteres Patentdokument, das jedoch erst am oder nach dem Anmeldedatum veröffentlicht worden ist	
Y: von besonderer Bedeutung in Verbindung mit einer anderen Veröffentlichung derselben Kategorie		D: in der Anmeldung angeführtes Dokument	
A: technologischer Hintergrund		L: aus anderen Gründen angeführtes Dokument	
O: nichtschriftliche Offenbarung			
P: Zwischenliteratur		8: Mitglied der gleichen Patentfamilie, übereinstimmendes Dokument	
T: der Erfindung zugrunde liegende Theorien oder Grundsätze			

